Indicar formato da apresentação: pôster ( ) oral ( X )

**Complementação do genoma de *Aspergillus niveus* com enzimas oxidativas de *Myceliophthora thermophila*, para o desenvolvimento de um *cell factory* mais eficiente na sacarificação**

**enzimática do bagaço de cana-de-açúcar**

*Aline L. Gonçalves,1, Fernando Segato1*

*1 Escola de Engenharia de Lorena - Universidade de São Paulo, Departamento de Biotecnologia, Lorena, SP, Brasil*

**Resumo**

O aumento da demanda energética mundial, somada as preocupações sobre as mudanças climáticas tem levado a busca por fontes sustentáveis de energia. Neste contexto, a biomassa lignocelulósica se destaca como um recurso renovável e abundante, passível de ser utilizada na produção de biocombustíveis e outros compostos de interesse. Porém, a sacarificação enzimática deste tipo de matéria-prima se mostra um desafio devido a recalcitrância do material. Buscando processos de conversão mais eficientes, diversos estudos têm se voltado para a utilização de microrganismos termofílicos para a produção de enzimas com capacidade de atuação em temperaturas elevadas, permitindo assim a otimização do processo. Dentre estes microrganismos, os fungos *Aspergillus niveus* e *Myceliophthora thermophila* são de grande interesse por apresentarem boa taxa de sacarificação da biomassa. Estudos prévios demonstraram que *A. niveus* e *M. thermophila* possuem mecanismos distintos de despolimerização da celulose, sendo um predominantemente hidrolítico e outro oxidativo, respectivamente. A ação conjunta dos secretomas destes dois fungos melhorou a taxa de conversão da celulose em açúcares fermentescíveis o que levou a proposta de desenvolver um *cell factory* realizando a complementação do genoma de *A. niveus* com enzimas oxidativas de *M. thermophila.* Para isto, foi necessária a realização de um nocaute do gene *PyrG* para a criação de uma marca auxotrófica que permitisse a seleção dos futuros transformantes. No entanto, como a integração de sequências heterólogas se mostrou um desafio, também se propôs a realização do nocaute do gene *KU70* de *A. niveus,* o qual está envolvido com o mecanismo de reparação não homóloga do DNA, sendo que sua deleção aumenta a taxa de recombinação homóloga do fungo. O nocaute foi realizado com uma sequência de LPMO de *M. thermophila* e a marca de seleção foi reposta com a sequência nativa do gene *pyrG* de *A. niveus.*

**Palavras-chaves:** *Biocombustíveis, cell factory, Aspergillus niveus*